**Таблица 1. Статистическая значимость различий уровня экспрессии мРНК исследованных генов при парном сравнении эмбрионально-анатомических отделов толстой кишки в тканях, полученных от условно здоровых доноров («Норма»), и ткани опухоли («КРР»)**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Ген** | **Норма** | | | | **КРР** | | | | **ПОК** | | **ЛОК** | | **ПК** |
| **ПОК/ЛОК** | **ПОК/ПК** | **ЛОК/ПК** |  | **ПОК/ЛОК** | **ПОК/ПК** | **ЛОК/ПК** |  | **Норма/КРР** |  | **Норма/КРР** |  | **Норма/КРР** |
| *CTSL2* | – | – | 0,005 | | – | – | – | | 0,022 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *BCL2* | – | – | – | | 0,043 | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *MYC* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *BIRC5* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | 0,023 |
| *CCND1* | 0,007 | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *NDRG1* | 0,005 | 0,003 | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *CD68* | 0,004 | – | 0,001 | | – | – | – | | – | | – | | – |
| *KI67* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *TERT* | < 0,001 | – | < 0,001 | | 0,007 | – | – | | – | | < 0,001 | | – |
| *HER2* | 0,026 | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *PTEN* | – | – | 0,046 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *BAG1* | – | < 0,001 | 0,002 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *PGR* | – | 0,005 | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *CCNB1* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *ESR1* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | 0,027 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *GRB7* | – | – | – | | – | – | – | | 0,016 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *MMP11* | – | 0,029 | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *STK15* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *MYBL2* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *P16INK4A* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *SCUBE2* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | 0,001 |
| *MMP9* | – | – | 0,013 | | – | – | – | | 0,003 | | 0,036 | | – |
| *GNLY* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *P14ARF* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | 0,001 |
| *IGF1* | 0,029 | – | 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *COX-2* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | 0,018 | | 0,014 | | – |
| *IGF2* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | – | | – | | – |
| *CYP19A* | – | 0,001 | 0,007 | | – | – | – | | 0,007 | | – | | – |
| *GREM1* | – | < 0,001 | 0,000 | | – | – | – | | 0,017 | | 0,001 | | – |
| *MMP2* | – | 0,003 | 0,014 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *PAPPA* | 0,049 | 0,003 | – | | – | – | – | | 0,015 | | – | | – |
| *MMP7* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | 0,041 | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *IL2* | – | < 0,001 | < 0,001 | | 0,041 | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *MMP8* | – | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *IL2Ra* | < 0,001 | 0,008 | – | | – | – | – | | – | | – | | – |
| *IL6* | – | 0,002 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *IL12a* | 0,006 | 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | – | | < 0,001 |
| *IL7* | 0,010 | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *IL15* | – | 0,029 | 0,008 | | – | – | – | | – | | < 0,001 | | – |
| *IL8* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *IL1b* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *IL10* | 0,021 | 0,007 | < 0,001 | | – | – | – | | – | | – | | 0,002 |
| *TPA* | – | – | – | | – | – | – | | – | | – | | – |
| *IFNg* | – | – | – | | 0,013 | – | 0,030 | | < 0,001 | | 0,042 | | 0,001 |
| *CD45* | 0,033 | 0,042 | 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *TNFa* | 0,010 | – | 0,000 | | – | – | – | | 0,010 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *CD56* |  | – | – | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *TGFb* | 0,018 | 0,011 | 0,000 | | – | – | – | | 0,040 | | – | | 0,001 |
| *CD69* | 0,025 | – | – | | 0,002 | – | – | | – | | 0,001 | | – |
| *VEGFA121* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *BAX* | – | – | 0,011 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *VEGFA165* | 0,024 | < 0,001 | – | | – | – | – | | – | | – | | 0,041 |
| *TLR2* | – | – | 0,012 | | – | – | – | | – | | – | | – |
| *VEGFA189* | 0,000 | 0,014 | – | | – | – | – | | 0,025 | | – | | 0,035 |
| *TLR4* | 0,003 | 0,014 | – | | – | – | – | | < 0,001 | | 0,005 | | 0,024 |
| *TLR7* | – | 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |
| *HLA-G5* | – | 0,005 | 0,006 | | – | – | – | | 0,001 | | 0,001 | | < 0,001 |
| *GATA3* | – | 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | – | | 0,008 | | < 0,001 |
| *LGALS1* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | – | | – | | – |
| *LIF* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | – | | – | | 0,003 |
| *LIFR* | – | < 0,001 | < 0,001 | | – | – | – | | < 0,001 | | < 0,001 | | < 0,001 |

КРР – колоректальный рак, ЛОК – левая ободочная кишка, ПК – прямая кишка, ПОК – правая ободочная кишка

В таблице указаны значения р < 0,05, знаком «–» отмечены статистически незначимые различия

**Таблица 2. Итоги дискриминантного анализа определения принадлежности исследуемых образцов нормальной слизистой оболочки к отделам толстой кишки**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Ген** | **Лямбда Уилкса** | **Частная лямбда** | **Значение F-критерия** | **Уровень значимости F-критерия (р)** | **Толерантность** |
| ***SCUBE2*** | **0,038** | **0,775** | **12,903** | **0,000\*** | **0,245** |
| ***IL2Ra*** | **0,035** | **0,83** | **9,088** | **0,000\*\*** | **0,182** |
| ***CCND1*** | **0,035** | **0,831** | **9,021** | **0,000\*\*** | **0,577** |
| *TERT* | 0,035 | 0,849 | 7,896 | 0,001 | 0,328 |
| *IGF1* | 0,034 | 0,866 | 6,856 | 0,002 | 0,101 |
| *LIFR* | 0,034 | 0,869 | 6,681 | 0,002 | 0,263 |
| *NDRG1* | 0,034 | 0,875 | 6,358 | 0,003 | 0,119 |
| *CD45* | 0,033 | 0,883 | 5,883 | 0,004 | 0,043 |
| *CD69* | 0,033 | 0,884 | 5,84 | 0,004 | 0,104 |
| *IL1b* | 0,033 | 0,895 | 5,247 | 0,007 | 0,197 |
| *MMP11* | 0,033 | 0,895 | 5,223 | 0,007 | 0,096 |
| *TLR2* | 0,032 | 0,91 | 4,381 | 0,015 | 0,112 |
| *IL7* | 0,032 | 0,911 | 4,349 | 0,016 | 0,197 |
| *ESR1* | 0,032 | 0,912 | 4,287 | 0,017 | 0,18 |
| *TGFb* | 0,032 | 0,914 | 4,167 | 0,019 | 0,047 |
| *TLR4* | 0,032 | 0,92 | 3,883 | 0,024 | 0,13 |
| *BAG1* | 0,032 | 0,927 | 3,495 | 0,035 | 0,473 |
| *MMP9* | 0,031 | 0,932 | 3,251 | 0,043 | 0,155 |
| *PAPPA* | 0,031 | 0,934 | 3,142 | 0,048 | 0,208 |

Уровень статистической значимости различий: \* р < 0,0001; \*\* р < 0,001. Гены, вносящие наибольший вклад в правильность классификации, выделены жирным шрифтом

**Таблица 3. Соответствие наблюдаемой и прогнозируемой классификации образцов по молекулярному фенотипу для трех отделов толстой кишки в группе «Норма»**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Отдел толстой кишки** | **Частота совпадения классификации, %** | **Распределение образцов по отделам толстой кишки согласно дискриминантной модели, n** | | |
| **ПОК (Норма)** | **ЛОК (Норма)** | **ПК (Норма)** |
| ПОК (Норма) | 95,7 | 45 | 2 | 0 |
| ЛОК (Норма) | 96,8 | 2 | 60 | 0 |
| ПК (Норма) | 93,0 | 0 | 2 | 31 |
| Всего | 95,8 | 47 | 64 | 31 |

ЛОК – левая ободочная кишка, ПК – прямая кишка, ПОК – правая ободочная кишка

На диагонали таблицы (выделено серым цветом) представлено число корректно классифицированных случаев принадлежности к исследуемому отделу толстой кишки. В остальных ячейках указано число образцов, которые были классифицированы ошибочно

**Таблица 4. Соответствие наблюдаемой и прогнозируемой классификации образцов по молекулярному фенотипу для трех отделов толстой кишки в группе «КРР» (матрица классификаций дискриминантного анализа включала 27 генов)**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Отдел толстой кишки** | **Частота совпадения классификации, %** | **Распределение образцов по отделам толстой кишки согласно дискриминантной модели, n** | | |
| **ПОК (КРР)** | **ЛОК (КРР)** | **ПК (КРР)** |
| ПОК (КРР) | 76,0 | 19 | 0 | 6 |
| ЛОК (КРР) | 71,4 | 4 | 25 | 6 |
| ПК (КРР) | 78,0 | 3 | 6 | 32 |
| Всего | 75,2 | 26 | 31 | 44 |

КРР – колоректальный рак, ЛОК – левая ободочная кишка, ПК – прямая кишка, ПОК – правая ободочная кишка

На диагонали таблицы (выделено серым цветом) представлено число корректно классифицированных случаев принадлежности к исследуемому отделу толстой кишки. В остальных ячейках указано число образцов, которые были классифицированы ошибочно